

Análise genômica e identificação de genes inseticidas de uma nova cepa de *Bacillus thuringiensis*

Karine S. Carvalho; Samuel F. A. Galvão; Roberto W. Noda; Fernando H. Valicente

UFLA - UNIVERSIDADE FEDERAL DE LAVRAS

Bacillus thuringiensis (Berliner, 1911) é uma bactéria gram-positiva com atividade entomopatogênica a diversos insetos-pragas que provocam danos econômicos na agricultura. A sua toxicidade é devido à produção de diversas proteínas inseticidas durante a fase de crescimento conhecidas como Cry, Cyt, Vip e Sip. Os genes responsáveis pela expressão dessas proteínas estão localizados nos genomas e plasmídeos bacteriano, e a sua correta identificação e localização possibilita aplicá-los em inovações biotecnológicas, como por exemplo, plantas transgênicas resistentes à insetos-praga. O objetivo desse estudo foi analisar as sequências de nucleotídeos correspondentes ao genoma de uma nova cepa de *Bacillus thuringiensis* com atividade tóxica à lepidópteros-praga de importância agrícola e identificar os genes candidatos presentes. O DNA genômico da cepa 775E foi extraído utilizando o kit Wizard® Genomic DNA Purification e iormente sequenciado em paired-end por meio da plataforma Illumina HiSeq 4000 system. Os Scaffolds resultantes da montagem foram analisados por meio de alinhamento local de sequências (BLASTn) contra um banco de dados específico contendo sequências nucleotídicas de toxinas de Bt nomeadas e depositadas no NCBI utilizando o software ncbi-blast-2.7.1. O sequenciamento gerou um total de 8,422,300 de reads de alta qualidade, com tamanho total de 6,668,999 pb, 256 scaffolds, 259 contigs, valor de N50 de 75,208 e 34.54% de conteúdo de G+C. As análises forneceram um relatório de saída com valores de score, e-value, gap, mismatch, localização do gene e o sentido na fita de DNA. Foram identificados seis genes que expressam proteínas Cry (cry9Ea, cry1Da, cry1Ca7, cry1Ia, cry1Aa, cry2Ab) e um gene que expressa proteína VIP (vip3Aa). A sequência completa do genoma de *B. thuringiensis* 775E será depositada no GenBank. Os genes localizados no genoma da cepa são promissores para serem estudados e utilizados em estratégias de controle biológico de pragas.

Palavras-Chave: Bt; Sequenciamento; Toxinas

Apoio Institucional: Embrapa Milho e Sorgo, CAPES